

Tytuł zadania : Współdziałanie odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) warunkowanej genem mlo z wartością cech gospodarczych jęczmienia ozimego.

Kierownik: prof. dr hab. Jerzy H. Czembor

Celem badań jest określenie interakcji genu mlo z wybranymi cechami wartości gospodarczej w genomie form ozimych. Zakłada się, że gen recesywny mlo warunkujący wysoką odporność na *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* może mieć korzystny wpływ na wysokość i stabilność plonu ziarna jęczmienia ozimego.

Temat badawczy 1:

Ocena polowa i selekcja linii F₄BC₂ wysianych w doświadczeniu polowym 1-powtórzeniowym w trzech miejscowościach pod względem oceny plenności, odporności na choroby i wyleganie.

Do badań wykorzystano 200 linii należących do 4 populacji mieszańcowych o genotypie mlo mlo pokolenia F₄BC₂ jęczmienia ozimego po 50 linii na populację. Doświadczenia założono w okresie jesiennym 2016 roku w 3 lokalizacjach: Radzików, Szelejewo, Wiatrowo. Przeprowadzono zabiegi agrotechniczne w poszczególnych miejscowościach, w okresie wegetacji wykonano oceny cech: stan roślin przed zimą oraz po zimie, odporność na choroby: mączniak prawdziwy, rdza karłowa, żółta karłowatość jęczmienia, rynchosporioza, oznaczony zostanie termin kłoszenia oraz wysokość roślin (zgodnie z metodyką COBORU). Odmiany rodzicielskie i linie przed zimą i po zimie charakteryzowały się dobrą kondycją. W ocenie porażenia przez choroby stwierdzono małe różnicowanie w przypadku mączniaka prawdziwego. Znacznie większe różnicowanie stwierdzono w przypadku wystąpienia rdzy karłowej. Rynchosporioza wystąpiła w znikomym nasileniu. Nie stwierdzono porażenia badanych materiałów przez plamistość siatkowaną.

Wybór roślin oraz rozmnożenie homozygotycznego dla genu mlo (mlo mlo) i Mlo (Mlo Mlo) materiału roślinnego w celu przeprowadzenia doświadczeń z liniami F₅BC₂.

Do badań użyto 490 roślin 4 populacji mieszańcowych pokolenia F₄BC₂ jęczmienia ozimego, u których w 2016 roku stwierdzono fenotypowo i molekularnie obecność genu *mlo*. Do oceny fenotypowej i molekularnej z każdej z czterech populacji wybrano losowo po 50 sublinii. W warunkach fitotronowych dla każdej z wbranych sublinii wyprowadzono po 8 siewek do oceny fenotypowej reakcji na zakażenie izolatem Bgh 27 mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*). Do dalszej analizy molekularnej na obecność genu *mlo* pobrano próbki z 5 siewek o charakterystycznej reakcji na zakażenie mączniakiem (łącznie 1000 roślin). Wybrane do kolejnych badań w roku 2018 rośliny po jarowizacji w fitotronie, w warunkach szklarniowych zostaną doprowadzone do pełnej dojrzałości.

Temat badawczy 2:

Ocena plonu ziarna na poletku doświadczalnym w Radzikowie w doświadczeniu 1-powtórzeniowym linii F₄BC₂ wyselekcjonowanych w ramach usługi badawczej w sezonie 2015/16 w stacji hodowli w Szelejewie.

Do badań wykorzystano 132 linie F₄BC₂ jęczmienia ozimego, o genomie mlo mlo określonym w ocenie fenotypowej i molekularnej - odpowiednio testem fitopatologicznym i markerami molekularnymi w roku 2016. Doświadczenie założono w jednej lokalizacji w Radzikowie, układ: doświadczenie 1-powtórzeniowe; poletka 5m² do zbioru; co 5 poletko odmiany wzorcowe – odpowiednio odmiany rodzicielskie dla poszczególnych kombinacji mieszańcowych: BKH 735,

Souleyka, Titus, L42, SU Vireni, Metaxa. Przeprowadzono zabiegi agrotechniczne. W okresie wegetacji wykonano oceny w skali stosowanej w COBORU: stan roślin przed zimą oraz po zimie, porażenie przez choroby: mączniak prawdziwy, rdza karłowa, żółta karłowatość jęczmienia, rynchosporioza, odnotowano termin kłoszenia, wysokość roślin oraz plon. Na podstawie analiz statystycznych wykonanych za pomocą programu ADOWBLOK-(TP) wykazano istotne zróżnicowanie pomiędzy badanymi liniami w obrębie każdej populacji, oraz wskazano linie plonujące powyżej odmian wzorcowych i wytypowanych do dalszych badań - łącznie 36 linii.

Temat badawczy 3:

Ocena fenotypowa i molekularna roślin F_5BC_2 reprezentujących linie włączone do reSelekcji w warunkach polowych w 2018 roku.

Materiałem badawczym były siewki 1000 roślin F_5BC_2 . Siewki w stadium pierwszego liścia zostały zakażone izolatem Bgh 27 i po 8 dniach od zakażenia były ocenione fenotypowo w pod względem reakcji na infekcję w skali: 0(4) odporność typu Mlo i podatność 4. Próbki drugiego liścia zostały wykorzystane do analiz molekularnych. Na podstawie oceny fenotypowej stwierdzono odporność na zakażenie izolatem Bgh 27 warunkowaną recesywnym genem mlo. W każdej z badanych populacji jedna z form rodzicielskich była donorem genu mlo (forma sześciorzędowa to BKH 735 oraz forma jęczmienia dwurzędowego Linia 42). W obrębie populacji (Souleyka \times BKH 735) \times Souleyka do dalszych badań wytypowano 111 linii, w obrębie populacji (Titus \times BKH 735) \times Titus do dalszych badań wytypowano 116 linii, w obrębie populacji (Linia 42 \times SU Vireni) \times SU Vireni do dalszych badań wytypowano 85 linii a w obrębie populacji (Linia 42 \times Metaxa) \times Metaxa do dalszych badań wytypowano 95 linii.